



ESTRATÉGIAS PARA O MELHORAMENTO GENÉTICO DOS SUÍNOS NO BRASIL

Elsio A. P. Figueiredo¹, Jane O. Peixoto¹, Mônica C. Ledur¹

¹Pesquisador(a) da Embrapa Suínos e Aves

1. Contextualização

No Brasil existem 39,3 milhões de suínos, sendo 36 milhões de animais de abate, com produção de 3,5 milhões de toneladas de carne. Os suínos de abate são produzidos por 2,4 milhões de matrizes, sendo 1,1 milhões das integrações, 600 mil dos produtores do mercado spot e 700 mil dos produtores de subsistência (Miele et al. 2010).

Para manter a competitividade da indústria suína brasileira é necessário a melhoria contínua do desempenho das matrizes para características de reprodução e crescimento, e dos animais de abate para características de eficiência produtiva e qualidade da carne (Quadro 1).

O melhoramento genético dos suínos no Brasil tem sido alcançado via importação de material genético e também via programas próprios de seleção e cruzamentos das empresas e de produtores independentes.

Os países líderes no melhoramento de suínos são Dinamarca, Alemanha, Inglaterra, Irlanda, Estados Unidos, Canadá, França e Holanda. É nesses países que se encontram as principais empresas de genética suína e, consequentemente, de onde vem material genético para o Brasil (sêmen congelado e animais), gerando dependência, sendo essa uma fragilidade do Brasil.

As raças mais utilizadas na suinocultura brasileira são Landrace e Large White para produzir matrizes fêmeas e as raças Duroc, Pietrain, Large White e Hampshire para produzir matrizes machos (reprodutores terminais).

Os programas de melhoramento genético de suínos são concebidos na forma imaginária de uma pirâmide (Figura 2),

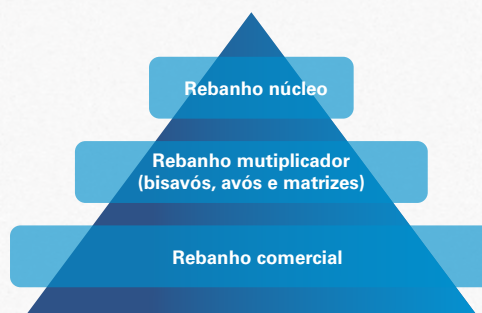


Fig. 2. Pirâmide de produção na atividade suinícola

sendo que no topo da pirâmide localizam-se os rebanhos núcleo (de raça pura), onde se pratica a seleção. Abaixo do topo localizam-se os rebanhos de multiplicação do material genético puro com seleção (granjas de bisavós e avós) e com cruzamento (granjas de matrizes). Na base da pirâmide localizam-se os rebanhos comerciais com produção de animais de abate, híbridos de alto desempenho e uniformidade. Nessa visão, os genes fluem do topo para a base da

pirâmide, distribuindo o ganho genético obtido pela seleção para toda a população de suínos, demorando pelo menos quatro anos para esses ganhos chegarem até a base.

Na prática, o melhoramento genético dos rebanhos comerciais é conseguido pela aquisição de matrizes de reposição (tanto machos como fêmeas) das empresas com programas próprios de genética (importada ou de selecionadores de raças puras e avoazeiros) associados à Associação Brasileira de Criadores de Suínos - ABCS. Atualmente as metas de produtividade das granjas comerciais estão listadas no Quadro 2.

A Embrapa Suínos e Aves tem uma proposta para o melhoramento genético dos suínos brasileiros, tanto para produção industrial como para produção alternativa*.

QUADRO 2 - Metas de produtividade de uma granja de suínos

- Terminados/porca/ano > 30
- Peso de abate = 120 kg
- Idade ao abate = 150 dias
- Espessura de toucinho < 15 mm
- Carne na carcaça > 60%
- CA cresc - term < 2,5

QUADRO 1 - Características incluídas nos programas de melhoramento genético de suínos

REPRODUTIVAS (Figura 1)

- Número de leitões nascidos vivos;
- Número de leitões desmamados;
- Peso da leitegada desmamada pelas matrizes.

DE DESEMPENHO E QUALIDADE DE CARNE (Figura 5)

- Dias para alcançar peso de abate;
- Espessura de toucinho;
- Quantidade de carne na carcaça;
- Podem ainda incluir conversão alimentar e para características de qualidade da carne, a cor, pH, retenção de água e marmoreio.

* Para produção alternativa de suínos outras características como docilidade, robustez, longevidade são também importantes.



Fig. 1. Ilustração das características necessárias nas matrizes.

2. Benefícios diretos do melhoramento genético dos suínos

Dentro de cada raça ou linha especializada, para se conseguir ganho genético nas características mencionadas no Quadro 1 vários métodos são utilizados para estimar o mérito genético para cada característica. Em geral, seleciona-se pelo mérito genético os 5% melhores cachacos e as 25% melhores porcas para produzir a próxima geração.

O impacto econômico da seleção, nas linhas puras sobre o progresso genético na produção comercial dos rebanhos, é aditivo e acumula-se de uma geração para a próxima, quando se utiliza critérios de seleção consistentes.

Schinckel e Bennett (1999) indicavam ser possível conseguir um lucro adicional potencial de até 1,88 dólares por suíno abatido, se fossem selecionados os 5% melhores cachacos e as 25% melhores

porcas em mérito genético, num intervalo curto de gerações (12 meses para cachacos e 18 meses para porcas). Esse valor é a soma dos ganhos em produtividade da porca, ganhos nas características de crescimento e de carcaça, todos ponderados pelos seus respectivos valores econômicos. Assumindo-se que o selecionador comercializa 200 cachacos por ano e cada cachaco produz 500 descendentes por monta natural nos rebanhos comerciais, nesses 100 mil suínos o ganho cumulativo da seleção em dez anos seria de 4.356 mil dólares.

Um cachaco de central (Figura 3) tem condições de produzir 10 mil descendentes ao longo de um ano, o que aumenta em 20 vezes o ganho para monta natural estimado por Schinckel e Bennett (1999). Ao se

utilizar os melhores 2% de cachacos nas centrais, além de repassar mais ganhos genéticos para mais descendentes, também se reduz o custo do melhoramento genético, demonstrando a importância das centrais de cachacos.



Fig. 3. Cachaco de central de sêmen.

3. Métodos para estimar mérito genético (VGE e DEP)

(Adaptado de Long et al. 2003)

1. APRECIÇÃO VISUAL

Consiste apenas na apreciação visual dos candidatos à seleção para identificar o potencial de produzir progênie. As características mais avaliadas na apreciação visual são: estrutura de pés e pernas, saudabilidade e linha de úbere e genitália externa, pois essas podem afetar a habilidade do candidato para produzir progênie. Em todos os programas de melhoramento genético a apreciação visual continua sendo um componente importante do método. Entretanto, basear-se apenas na apreciação visual para acessar mérito genético é subjetivo e pode conduzir a sérios erros. Por isso, os métodos que associam essa informação com a informação de desempenho são superiores para o melhoramento genético.

2. FENÓTIPO

Para situações onde o selecionador quer melhorar apenas uma única característica e a informação é limitada apenas à informação do grupo de contemporâneos, estimar o mérito genético para essa característica consiste apenas em multiplicar a herdabilidade pelo desvio da média do grupo de contemporâneos da característica, para cada indivíduo do grupo.

$$VGE = h^2 \times (P - GC) \text{ e } DEP = VGE/2$$

Onde, h^2 é a herdabilidade da caracterís-

tica, P é o fenótipo do animal e GC é a média do grupo de contemporâneos.

Esse método corrige as informações apenas para os efeitos ambientais presentes no desempenho.

Tem a vantagem de ser fácil de calcular para os animais que completam o teste, mas apresenta desvantagens frente a outros métodos: a) Geralmente o selecionador quer melhorar mais de uma característica; b) Quando se obtém o VGE dessa maneira é difícil comparar animais de diferentes grupos de contemporâneos porque suas informações foram desviadas de diferentes médias de grupos e; c) Esse método não utiliza informação dos parentes nem de outras características correlacionadas, se utilizasse poderia melhorar a acurácia da estimativa do mérito genético.

3. INFORMAÇÃO DE PARENTES

Os membros de uma mesma família apresentam alguns alelos comuns. Animais que são estreitamente aparentados (irmãos completos ou meio irmãos) apresentam mais informação em comum do que aqueles não tão aparentados (primos e outros). Se os animais aparentados apresentam alelos em comum, as tendências entre os seus desempenhos também tem semelhança genética e essa informação pode ser utilizada para melhorar a estimativa do VGE e da DEP.

$$VGE = b_1(P - GC) + b_2(IC - ICGC) + b_3(MI - MIGC)$$

Onde b_1 , b_2 e b_3 são os fatores de ponderação associados com a fonte de informação do indivíduo (P), seus irmãos completos (IC) e seus meio irmãos (MI) e GC , $ICGC$ e $MIGC$ são as médias dos respectivos grupos de contemporâneos do indivíduo, seus irmãos completos e seus meio irmãos, respectivamente.

Os valores de b_1 , b_2 e b_3 são estimados utilizando informação do número de registros avaliados, herdabilidades, relacionamento entre o animal e seus irmãos e as correlações genéticas com outras características avaliadas.

A principal vantagem desse método sobre os outros dois métodos vistos, é que o selecionador pode incorporar informação dos parentes no cálculo do VGE, o que melhora a acurácia da estimativa em relação aos dois métodos já vistos. A principal desvantagem desse método é que os registros são desviados de grupos de contemporâneos e, portanto, não se pode comparar VGEs com outros grupos na mesma granja ou de outras granjas.

4. BLUP - Melhor preditor linear não viesado

É um procedimento estatístico para estimar os efeitos fixos e aleatórios que influenciam as características dos animais. Os valores genéticos são estimados

utilizando o modelo $y = Xb + Zu + e$, onde y é um vetor dos registros, b é um vetor dos efeitos fixos e u é um vetor dos efeitos aleatórios (animais), X e Z são as respectivas matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios e e é o vetor dos erros aleatórios. Esse procedimento permite o selecionador fazer melhor uso da informação para estimar o mérito genético do que os três métodos já discutidos. Tanto VGE como DEP são calculados pela solução de um sistema de equações simultâneas, que incorpora informação de todos os registros conhecidos dos parentes do animal. Faz isso por meio do uso da matriz de parentesco entre os parentes dentro do rebanho ou da raça. Algum animal pode nem ter recorde para uma característica de interesse mas, nesse caso, ele apenas fornece os laços genéticos entre esse animal e aqueles que possuem registros (zero para não parentes, $\frac{1}{2}$ para pai-filho, $\frac{1}{4}$ para avô-neto, etc). Adicionalmente os animais também são conectados por terem sido criados no mesmo grupo de contemporâneos. Finalmente, as informações em outras características registradas no animal podem ser utilizadas para estimar o valor genético do animal para uma característica específica, se essas outras características forem geneticamente correlacionadas com a característica de interesse. Por exemplo, espessura de toucinho é geneticamente correlacionada de forma negativa com conversão alimentar, portanto, essa informação adicional pode ser utilizada para estimar com maior acurácia o valor genético para conversão alimentar. Os VGEs são calculados como desvios em relação aos animais da base. Um animal com um VGE para espessura de toucinho de -4,0 mm significa 4,0 mm a menos em ET do que os animais da base, o que é uma diferença genética.

Especialmente em avaliações entre rebanhos é importante que os registros utilizados na análise sejam conectados. A conectividade pode acontecer de duas formas. A primeira pelos laços genéticos entre rebanhos. Esses laços podem ser devido ao uso de inseminação artificial, onde um reprodutor produz progênie em vários rebanhos, ou onde os animais são vendidos como reprodutores e produzem progênie em outros rebanhos. Esses laços entre rebanhos precisam existir e ser mantidos para uma ótima avaliação BLUP poder ser feita. A segunda forma de conectividade vem do grupo de contemporâneos. Devido ao sistema de equações BLUP ser resolvido simultaneamente para os efeitos genéticos e de ambiente, é importante ter boa conectividade dentro

dos grupos de contemporâneos.

Animais não aparentados são conectados por estarem no mesmo grupo. Os grupos de contemporâneos necessitam ser tão grandes quanto os recursos e as instalações permitirem e devem representar progênie de no mínimo 2 a 3 reprodutores.

As vantagens da avaliação pelo BLUP incluem:

- Os valores genéticos estimados de animais de diferentes rebanhos ou grupos de contemporâneos podem ser comparados;
- Os valores genéticos estimados podem ser obtidos de características não expressas pelo animal (VGEs e DEPs dos cachacos para tamanho de leitegada por exemplo);
- A informação coletada é otimamente utilizada em relação aos demais métodos, portanto, produzindo estimativa mais acurada do valor genético do que os métodos discutidos previamente;
- As tendências genéticas podem ser calculadas, o que permite ao selecionador monitorar o progresso genético para cada característica no objetivo de seleção.

As desvantagens da avaliação pelo BLUP incluem a necessidade de programas sofisticados de computador para resolver o sistema de equações; e os VGEs e DEPs são gerados para características individuais ao invés de um único valor para ordenar os animais para seleção. As características individuais devem ser incluídas em índice.

4.1. Seleção genômica

A crescente evolução da área de genômica tem despertado grande interesse das empresas de genética em utilizar informações genômicas para aumentar a competitividade dos programas de melhoramento genético. A inclusão de informações genômicas na seleção dos animais permite a estimação mais acurada dos valores genéticos preditos e o aumento dos ganhos genéticos anuais dos programas de melhoramento genético de suínos (Legarra et al. 2009). O desenvolvimento de um painel de alta densidade de SNPs (polimorfismos de base única) tornou possível a realização de estudos de associação global e de seleção genômica em suínos (Ramos et al., 2009). Essas duas estratégias de análise genômica apresentam aplicabilidade nos programas de melhoramento.

O estudo de associação global do genoma é um procedimento para identificar *loci* responsáveis pela variação de características poligênicas (Figura 4), que consiste em correlacionar o genótipo de milhares de SNPs com fenótipos de interesse. Esses estudos têm possibilitado a identificação de *loci* que afetam várias doenças complexas e

também características quantitativas. Dessa forma, é possível identificar SNPs de efeitos mais relevantes e utilizar essa informação nas estratégias de seleção. Outra abordagem que utiliza os painéis de SNPs em alta densidade é a seleção genômica (Meuwissen et al., 2001). Esse método é mais eficiente por permitir mapear todos os QTLs do genoma capturando a variância genética total a partir dos marcadores. Para a seleção genômica há várias metodologias disponíveis, como a Ridge Regression juntamente com o BLUP e os métodos bayesianos como o Bayes A, Bayes B, Bayes C, Bayesian Lasso, entre outros. De qualquer forma, toda informação contida nos painéis de SNPs pode ser utilizada simultaneamente na avaliação genética via BLUP, sem grande modificação da metodologia para ajustar efeitos dos SNPs e demais efeitos para a predição dos valores genéticos genômicos.

Atualmente a seleção genômica para suínos já pode ser executada num único procedimento, como demonstrado por Christensen et al. (2012), e efetuada de maneira específica (Zhang et al. 2010).

Apesar de ser uma realidade em alguns programas de melhoramento, a implementação da seleção genômica não é simples. Para uso eficaz do grande volume de informações geradas pelas novas metodologias genômicas, é imprescindível o desenvolvimento de competências e ferramentas em bioinformática, que permitam transformar a informação genômica em conhecimento aplicável.

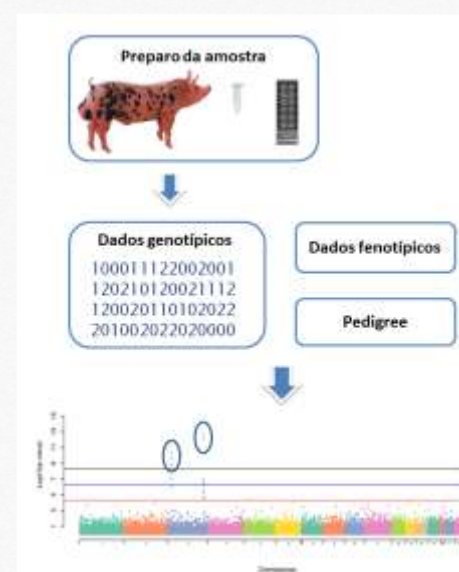


Fig. 4. Ilustração do uso da genômica na seleção.

4.2. Acurácia dos VGEs e DEPs pelo BLUP

Os VGEs/DEPs são estimativas do verdadeiro mérito genético do animal. Tais estimativas podem mudar sempre que uma ou mais informações de parentes (ex. irmãos mais jovens, progênie, etc.) tornarem-se disponíveis. Os valores de acurácia, que dão idéia ao usuário de quanto os VGEs/DEPs podem mudar,

podem ser calculados. As acurácias são maneiras de determinar quão próximo a estimativa do mérito genético está do verdadeiro mérito genético, e significa a probabilidade de que a estimativa mude quando mais informação for incluída no cálculo dos VGEs ou DEPs. Esses valores de probabilidade variam de 0,0 até 1,0. Valores baixos (0,0 a 0,4) sugerem que

quando nova informação tornar-se disponível, as estimativas de VGE terão maior chance de mudar, tanto na direção favorável ou não favorável, do que com altos valores de acurácia (0,7 a 1,0), pois estes indicam que as chances de mudar com a inclusão de nova informação são baixas.

4. Seleção para múltiplas características em suínos

(Adaptado de Stewart et al. 1999)

Na seleção para múltiplas características na mesma linha ou raça é necessário estabelecer claramente quais são os objetivos, os critérios e os métodos de seleção a serem empregados.

O selecionador deve definir metas para cada raça. Os objetivos podem variar entre raças ou linhas em função do sistema de cruzamento, oportunidades de mercado e sistemas de produção.

Objetivos de seleção - É a descrição das características que se quer melhorar e sua importância relativa para o lucro do rebanho, também conhecido como função objetivo, ou função lucro, ou agregado genotípico.

Por exemplo, se os reprodutores são utilizados apenas para produzir leitões de abate (como no caso da linha paterna) então as características taxa de crescimento, deposição de carne e eficiência alimentar, as quais são envolvidas no desempenho dos animais de abate são as mais importantes nessa linha. Entretanto, se o papel principal da raça ou linha é para produzir leitoas de reposição para produção comercial, então as características maternas são as mais importantes nessa linha. Porém, uma vez que as fêmeas de reposição contribuem também com metade do potencial genético para crescimento e deposição de carne dos seus descendentes (animais de abate) tais características não devem ser ignoradas na linha fêmea. Por outro lado, um rebanho produzindo material genético para uso em programa de cruzamento rotacional deveria ter um objetivo que fosse intermediário entre as linhas paternas e maternas.

Crítérios de seleção - São os critérios utilizados para avaliar cada animal para alcançar o objetivo de seleção.

O ideal seria que as características

descritas no objetivo de seleção (função objetivo) fossem incluídas no critério de seleção (índice de seleção). As características no critério de seleção podem ser medidas em cada animal e nos seus parentes. O custo de medir algumas características, tanto em termos financeiros ou de tempo, pode tornar impraticável incluí-las no critério de seleção. Portanto, o critério de seleção pode incluir características que são de pouco ou nenhum valor, mas são correlacionadas com características de interesse.

Algumas características podem estar no objetivo de seleção, mas não no critério de seleção. São as características que não podem ser medidas diretamente no animal por serem limitadas pelo sexo. Cachaços não produzem leitegadas, mas seu potencial genético para tamanho de leitegada é importante. Quando características desse tipo (reprodução, carcaça, longevidade) são incluídas no objetivo de seleção, o critério deveria incluir fontes correlacionadas de informação tais como outras características e informação dos parentes.

Após preparar a lista de características a ser utilizada como componentes do critério de seleção, utilizar tais características para identificar os melhores animais, conforme o interesse do selecionador.

Com o objetivo de seleção definido, o selecionador deverá aplicar os critérios de seleção adequados ao longo de alguns anos para obter uma mudança positiva no desempenho do rebanho.

MÉTODOS DE SELEÇÃO PARA MÚLTIPLAS CARACTERÍSTICAS

Existem três métodos gerais de seleção para múltiplas características.

1. Método Tandem

Seleciona uma característica por geração.

2. Método dos níveis independentes de descarte

Estabelece-se um mínimo de desempenho aceitável em cada característica para ser selecionado em cada geração.

3. Método dos índices de seleção

Combina em único índice o valor resultante da ponderação das características que compõem o critério de seleção. Os pesos são calculados utilizando as herdabilidades das características, as correlações entre as características presentes no índice e os valores econômicos de cada característica. Um índice é calculado para cada animal baseado nas informações do seu desempenho, mas as informações de desempenho dos parentes podem também ser incluídas para cada característica. A seleção é baseada na ordenação dos indivíduos de acordo com o valor do índice.

O valor do índice é uma estimativa do valor cumulativo, geralmente dólar ou reais, do potencial genético de cada animal para todas as características que compõem o objetivo de seleção.

É possível combinar a seleção pelos níveis independentes de descarte com o índice de seleção, sendo o que normalmente acontece quando o selecionador descarta leitões, na saída de creche, por baixo desempenho ou defeitos. Pode associar a esse descarte a informação genômica e utilizar o índice genômico para escolher os leitões para o teste de desempenho.

Os índices de seleção genômicos são índices modernos que fazem a ponderação dos valores genéticos genômicos e são utilizados por empresas de genética que atuam no melhoramento do suíno.

ÍNDICES DE SELEÇÃO UTILIZADOS NO PROGRAMA STAGES, DOS ESTADOS UNIDOS

No Brasil ainda não existe um programa de melhoramento genético de suínos centralizado, como existe nos países líderes da suinocultura. O programa americano STAGES serve de modelo para a implantação de um programa brasileiro.

O índice de seleção considera o potencial para resposta à seleção para cada característica, o valor econômico de cada característica, como informado no objetivo de seleção e a mudança correlacionada esperada nas outras características, quando uma delas é mudada pela seleção.

O cálculo do índice de seleção é simplificado quando combinado com o sistema de avaliação genética. As DEPs são calculadas considerando as variâncias e correlações genéticas entre as características e utilizam toda a informação disponível dos parentes para aumentar a acurácia da avaliação. Nesse caso, o selecionador pode simplesmente multiplicar a DEP de cada característica pelo respectivo valor econômico e somar os resultados para se obter o índice.

Utilizam-se três diferentes índices de seleção nos programas de avaliação genética de suínos nos Estados Unidos.

Índice de reprodutor terminal -TSI

Utilizados para seleção e descarte em rebanhos que tem raças paternas ou terminais. Inclui apenas características pós-desmama.

Índice de linha materna - MLI

Utilizados em linhas maternas e de duplo propósito. Inclui características reprodutivas e de pós-desmama, mas as características reprodutivas recebem o dobro da ênfase econômica do que as de pós-desmama.

Índice de produtividade da porca - SPI

Ordena os animais apenas pelas características reprodutivas. Utilizado para descartar porcas e escolher cachasos pais de porcas F1.



Fig. 5. Ilustração de características da carcaça.

Índices utilizados no programa STAGES (STAGES, 2014)

Índice de produtividade da porca

$$SPI = 100 + 6,5(L) + W$$

Índice de linha materna

$$MLI = 100 + 6(L) + 0,4(W) - 1,6(D) - 81(B)$$

TSI - Esse índice pode variar se existir informação de carne e de conversão alimentar, tomando as seguintes formas:

Índice de linha paterna módulo B

$$TIB = 100 - 1,4(D) - 106(B)$$

Índice de linha paterna módulo músculo

$$TIM = 100 - 1,4(D) + 12(M)$$

Se for medida a conversão alimentar e

ET medida pelo módulo B

$$I = 100 + 52(G) - 92(B) - 68(F) \text{ ou}$$

% de carne predita

$$I = 100 + 55(G) + 11(M) - 76(F)$$

Onde,

L = Número ajustado de leitões nascidos vivos da porca menos a média do número ajustado de nascidos vivos do grupo de contemporâneas desta.

W = Peso da leitegada da porca ajustado para 21 dias menos a média dos pesos das leitegadas ajustados para 21 dias no grupo de contemporâneas desta.

D = Dias ajustados para 113 kg do indivíduo menos a média dos dias ajustados para alcançar 113 kg do grupo testado.

B = Espessura de toucinho do indivíduo, ajustada para 113 kg, menos a média da

espessura de toucinho ajustada para 113 kg do grupo testado.

M = Porcentagem predita de carne calculada para o indivíduo menos a média da porcentagem predita de carne do grupo testado.

F = Conversão alimentar calculada para cada indivíduo, ou para a baía, dos animais menos a média da conversão alimentar para todas as baias ou animais (se forem alimentados individualmente) no grupo de contemporâneos.

G = Ganho médio diário medido no indivíduo menos a média do ganho médio diário do grupo de contemporâneos.

Tais índices apresentarão média 100 para cada grupo testado e devem apresentar um desvio padrão de cerca de 25. Um grupo testado deve ter aproximadamente a distribuição dos valores do índice mostrada na Quadro 3.

O índice mais simples consiste de todas as DEPs adicionadas juntas. Por exemplo, se um produtor estiver interessado em tamanho da leitegada-**L**, crescimento-**D** e espessura de toucinho-**B**, o índice seria:

$$I^* = 100 + DEP L + DEP D + DEP B$$

O uso de valores econômicos para cada característica vai ponderar a informação genética pela importância econômica relativa de cada característica. Utilizando os valores da Quadro 4 para as mesmas características daria o seguinte índice:

$$I = 100 + 13,5 \times DEP L + 0,12 \times DEP D + 15 \times DEP B$$

*Lembrando que as melhores DEPs para **D** e **B** são as mais negativas.

Quadro 3. Distribuição dos valores do índice de seleção.

VALOR DO ÍNDICE	PORCENTAGEM DE ANIMAIS	DESTINO
Valor maior que 150	2	Selecionados para linha pura
125 a 150	14	Centrais de cachasos
100 a 125	34	Monta natural
75 a 100	34	Descarte
50 a 75	14	Descarte
menor do que 50	2	Descarte

Fonte: Adaptado de NSIF (1997)

Quadro 4. Parâmetros e valores utilizados na construção dos índices de seleção recomendados.

CARACTERÍSTICA	SÍMBOLO	HERDABILIDADE	DESVIO PADRÃO	(\$) ^a VALOR ECONÔMICO
Número de nascidos vivos	L	0,10	2,50	13,5
Peso da leitegada ao nascer	LB	0,29	7,20	0,45
Peso da leitegada ajustada para 21 dias	W	0,15	16,0	0,50
Número de leitões aos 21 dias	NW	0,06	2,35	6,00
Dias para 250 lb (113 kg)	D	0,30	13,0	0,12
Sonda de ultrassom para ET	B	0,40	0,10 ^b 0,20 ^c	15,00
Conversão alimentar	F	0,30	0,25	13,00
Ganho médio diário	G	0,30	0,20	6,00
% Carne	M	0,48	1,50	1,10

^a Valor econômico em dólar por unidade de mudança (exemplo 1 leitão/leitegada, 1 polegada de ET). ^b Módulo A do ultra-som. ^c Módulo C do ultrassom ou sonda de metal.

Fonte: NSIF (1997)

5. Proposta da Embrapa Suínos e Aves

As características principais de um programa de melhoramento genético de sucesso incluem:

- Medições das características economicamente importantes de forma consistente e acurada nos animais;
- A análise apropriada dos dados e processos de avaliação genética;
- Uso desses resultados na seleção das raças e linhas puras.

Para tal é necessário:

1. Utilizar granjas GRSC, programas adequados de biossegurança e de alimentação.

2. Formação de uma base de dados confiável em cada granja. Isto é, passar as informações das fichas para uma base de dados.

A Embrapa Suínos e Aves desenvolveu um programa de captura de dados para formação de base de dados (Figura 6). Chama-se CAPED e encontra-se no seguinte endereço www.cnpsa.embrapa.br/caped/inicio.php.

A Embrapa Suínos e Aves também desenvolveu, em parceria com a Agriness, um exportador de dados do programa S2 para planilhas eletrônicas, que pode ser utilizado por qualquer usuário sob o controle da Embrapa Suínos e Aves.

3. Capacitar técnicos e trabalhadores das granjas de seleção e das centrais de cachaços nos procedimentos necessários para o melhoramento genético e para a escolha do sêmen de animais com os índices necessários para cada caso.

4. Procedimentos necessários nas granjas:

- Fichas de parto, de leitões e de cachaços;
- Construção do pedigree e compatibilização dos acasalamentos;
- Anotação dos dados da porca (número de

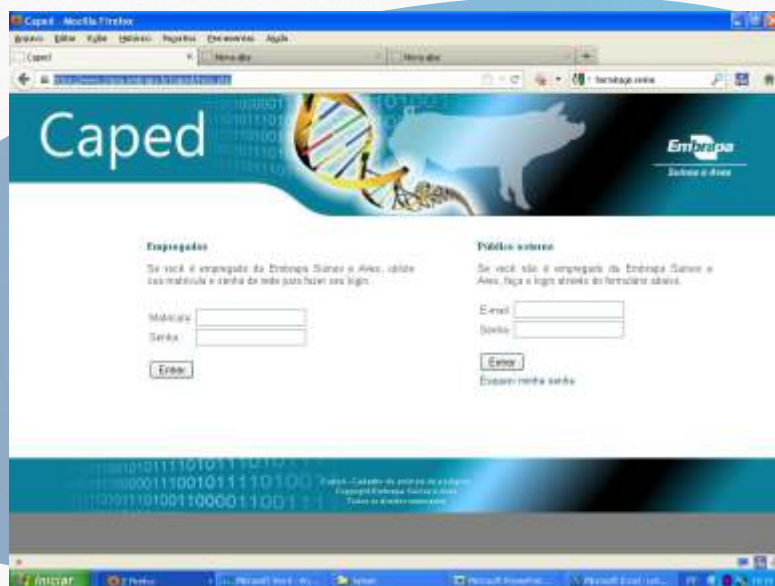


Fig. 6. Software de cadastro de dados da Embrapa Suínos e Aves

nascidos vivos, número de desmamados e peso da leitegada desmamada);

- Anotações dos dados do leitão (mossa, data de nascimento, peso ao nascer, a desmama, ao final de creche e ao final do teste de granja, com as respectivas datas).
- Teste de granja dos 23 aos 115 kg e formação de grupos de contemporâneos (anotar peso, consumo e espessura do toicinho, profundidade de músculo).
- Digitar os dados na base de dados.

5. Análise rotineira (com periodicidade mensal) dos dados para estimativas das DEPs.

6. Estimativa dos índices de seleção (SPI, MLI e TSI).

7. Centralização das informações na base de dados da ABCS.

8. Credenciamento do programa no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - Mapa.

9. Implantar seleção genômica nos programas que dispõem de recursos.

10. Criar mecanismos de intercâmbio de material genético com programa de excelência.

Requisitos para Programas Centralizados de Melhoramento entre Produtores e Agroindústrias de Carne Suína (NSIF, 1997)

Uniformidade - Trabalhar no estabelecimento de processos uniformes e acurados, para medir e anotar os dados do desempenho de crescimento dos suínos, que poderão ser úteis para as organizações.

Desenvolvimento - Auxiliar as organizações membros e/ou suas afiliadas no desenvolvimento de seus programas individuais, consistentes com as necessidades dos seus membros e com a meta comum de todos os programas de formação de base de dados.

Cooperação - Desenvolver cooperação entre todos os segmentos da indústria suína na compilação e utilização dos dados de desempenho e de qualidade, para melhorar a eficiência da produção suína.

Educação - Encorajar os membros para desenvolver programas educacionais, enfatizando o uso e interpretação dos dados de desempenho e de qualidade no melhoramento da eficiência da produção suína.

Confiança - Desenvolver confiança crescente da indústria suína no potencial econômico dos testes de desempenho.

Referências

- Christensen, O. F., Madsen, P., Nielsen, B., Ostensen, T., Su, G. Single step methods for genomic evaluation in pigs. *Animal*, 6:10, p. 1565-71. 2012.
- Legarra, A., Aguilar, I., Misztal, I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *J. Dairy Sci.*, 92:4656-4663. 2009.
- Long, T.E.; Sort, T. H.; Bates, R.O. Estimating genetic merit, Swine genetics - NSIF. West Lafayette, FS8. (2003)
- Meuwissen, T.H.E., Hayes, B.J., Goddard, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157: 1819-1829. 2001.
- Miele, M., Machado, J. S. Panorama da carne suína brasileira. *Agroanalysis*, V. 30, N. 1, p. 34-42. 2010.
- NSIF 1997. Guidelines for uniform swine improvement programs. <http://www.nsif.com/guidelines>. (Acessado em 25/03/2014).
- Ramos, A. M., Crooijmans, R. P. M. A., Affara, N. A., et al. 2009. Design of a high density SNP genotyping assay in the pig using SNPs identified and characterized by next generation sequencing technology. *PLoS ONE* 4: e6524.
- Schinckel, A. P.; Bennett, G. The economic impact of genetic - NSIF, West Lafayette, FS1. 1999.
- Stewart, T.S.; Neal, S.M.; Irvin, K.M. Multiple trait selection for pork improvement Swine Genetics - NSIF. West. Lafayette, FS10 (1999).
- Swine Testing And Genetic Evaluation System - STAGES™. National Swine Registry. www.nationalswine.com/pedigree_services/stages.php. (Acessado em 25/03/2014).
- Zhang, Z., Liu, J. Ding, X., Bijma, P., de Koning, D-J., Zhang, Q. Best linear unbiased prediction of genomic breeding values using trait-specific marker derived relationship matrix. *PLoS ONE* 5(9); e12648. Doi:101371/Journal. Pone.0012648. 2010.